遺伝子発現データ解析サービス

MOGERA®–Array アシスト

研究目的をふまえたアレイデータ解析の結果をご希望の方に

マイクロアレイデータについて弊社解析担当者が実験概要を伺い、 お客様の研究目的に沿った遺伝子発現解析を実施するサービスです。 実施した解析内容をまとめた解析報告書に、 弊社開発の Viewer を付属してお届けいたします。 報告書はデータと連動しており、 Viewer から手軽に解析結果を閲覧いただくことが可能です。 最新の遺伝子アノテーション情報を用いた統計解析により、 生物学的解釈に結びつく有用な情報をご提供いたします。

サービス内容

基本メニュー

マイクロアレイデータの正規化

お預かりしたアレイデータのシグナル値は、 Agilent Technologies 社製 遺伝子発現解析ソフト GeneSpring GX により、 必要に応じてシグナル値を正規化および補正いたします。 また、反復実験サンプルを含む場合は、各群のシグナル値の平均値を算出し、解析に用います。

アノテーション情報の取得

公共遺伝子データベース NCBI（National Center for Biotechnology Information）より取得した遺伝子の最新アノテーション情報をご提供いたします。 アノテーションの仕様は生物種により異なりますので、 詳細についてはお問合わせください。

アノテーションに含まれる情報（一例）	
GenBank ID	Gene Symbol
Description	Synonym
Map Location	Physical Map
Gene Ontology	GenMAPP
PubMed ID	

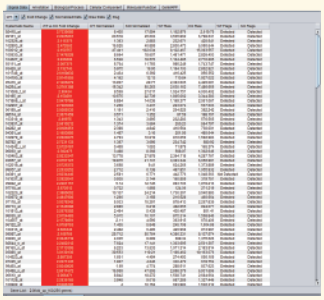
※NCBI 以外のデータベース情報の利用や BLAST 検索によるホモログ遺伝子からの情報補足にも対応しております。

データ品質確認

マイクロアレイスキャナー付属の各種ソフトウェアから出力されるフラグ情報やシグナル強度により、 各プローブセットのシグナルデータについて品質評価を行います。

発現変動遺伝子抽出

比較する 2 群間で発現量に変動が見られた遺伝子の一覧を作成します。
付属の Viewer から、 各プローブのシグナル値やアノテーション情報の一覧、 GO（Gene Ontology）カテゴリー、 GenMAPP（GeneMap Annotation and Pathway Profiler）パスウェイによる分類結果をご確認いただけます。



GO 解析

遺伝子の GO 情報を用いて統計解析を行い、遺伝子群の特徴抽出を行います。 遺伝子産物を生物学的プロセス、 分子機能、 細胞構成要素によって分類した GO カテゴリー情報を用いて、 抽出した遺伝子群を構成するカテゴリーの割合を全遺伝子と比較します。
付属の Viewer から、 GO カテゴリーと遺伝子の分類状況をご確認いただけます。

遺伝子セット解析（PAGE* 解析）
*Parametric Analysis of Gene Set Enrichment

遺伝子の GenMAPP パスウェイ情報を用いて PAGE 解析を行い、 パスウェイレベルで同調した発現傾向を示す遺伝子群を抽出します。 各パスウェイに属する遺伝子の平均発現量の増減を判定することで、 複数遺伝子の発現変動が及ぼす影響について検討が可能です。
さらに付属の Viewer から、 GenMAPP パスウェイ図をご確認いただけます。

Point

○実験のアレイメーカー・生物種を問わず解析します。
○最新のアノテーション情報をご提供します。
○解析報告書とリンクした Viewer を付属します。
○解析担当者とのディスカッション付きで、初めての方にも安心です。
○オプション解析の追加により、 解析項目の拡張が可能です。

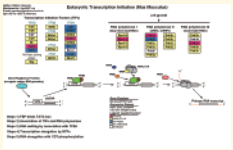
オプションメニュー

オプションは一例です。 その他の解析ご要望についても、 お気軽にご相談ください。

BLAST 検索

BLAST による配列相同性検索から遺伝子のホモログ情報を取得することで、解析に用いる遺伝子情報の充実を図ります。 遺伝子情報の少ない生物種の解析に有用です。

パスウェイ図への発現量マッピング

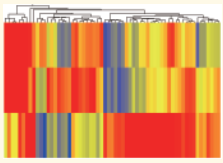


サンプル群間の発現比を、 GenMAPP パスウェイ図にマッピングします。 パスウェイ上の遺伝子について、 発現量の増減を視覚的にとらえることが可能です。

ネットワーク解析

既知の遺伝子間相互作用情報に基づき、 遺伝子群に内在するネットワークの抽出と描画を行います。

クラスター解析



類似した発現パターンを示す遺伝子やサンプルを集めてクラスターを作成します。 さらに、 GO 解析から各クラスターおよびクラスター間の生物学的解釈を検討します。

ベン図解析

複数のサンプルを比較し、 共通に含まれる遺伝子やある遺伝子群のみに含まれる遺伝子について分類を行います。

サービスの流れ

お申込み
↓
解析をご希望のアレイデータの送付
↓
解析方針についてのディスカッション
↓
弊社担当者によるデータ解析
↓
納品

お送りいただくもの

マイクロアレイの数値データおよびプローブ情報

納品物

解析報告書を含む Viewer および取扱説明書（CD-ROM または DVD-ROM に格納）

納期

10 営業日より
※解析内容・オプションの追加により、お時間がかかる場合がございます。

価格（税別）

2 群	3 ～ 5 群	6 群
200,000 円	1 群追加毎に +50,000 円	400,000 円

オプション価格

BLAST 検索	パスウェイの発現値マッピング
1 件 50,000 円～	

ネットワーク解析・クラスター解析・ベン図解析・その他
お問合わせください

上記の価格は 1 色法マイクロアレイ（6 群まで）のデータ解析を行う場合に適用されます。 7 群以上のデータ解析および 2 色法実験データの解析など、 その他の解析につきましては別途お見積りいたしますので、 お問合わせください。

? 群数について

サンプル A のマイクロアレイ
1 2 3 4
反復実験のアレイをまとめた、 1 種類のサンプルが一群になります。

お預かりデータ例
1 2 1 2
データ例は、 チップ枚数が 4 枚、 群数は 2 となります。

注意事項

・カスタムアレイの解析をご希望の方は、ご相談ください。
・納品物の閲覧には、 Java の実行環境（Java Runtime Environment）およびウェブブラウザ（Internet Explorer、 Mozilla Firefox、 Google Chrome 等）が必要です。
・Viewer は Windows® に対応しております。 Macintosh®・Linux® をご利用の方は、 ご相談ください。
・Viewer の必要・推奨動作環境は、 MOGERA®-Array セルフと共通です。
・ソフトウェアの不具合については保証期間を 2 週間とさせていただきます。